

заключение: порог межвидовой/внутривидовой генетической дистанции для млекопитающих, рассчитываемой по экзонам, которые наиболее часто используются в молекулярной филогенетике этой группы, составляет около 0.15%. Данная гипотеза предполагает признание за видами *in statu nascendi* видового ранга. Следует заметить, однако, что не все “хорошие” виды имеют значительные генетические дистанции в связи с тем, что репродуктивные барьеры иногда формируются быстрее, чем накапливаются замены по геному.

Потенциальные источники ошибок

Проведенная нами работа с последовательностями, получаемыми из депонированных в GenBank геномов, может содержать в себе потенциальные ошибки. Во-первых, при небольшом числе экзонов оценка дистанции может быть искажена давлением отбора на динамику появления мутаций в их последовательностях, однако мы предполагаем, что достаточно большая выборка локусов позволяет нивелировать это влияние. Во-вторых, геномная последовательность, представленная в базах данных, псевдогаплоидна, так как обычно не учитывается, что организм реально диплоидный. Кроме того, в самих геномных данных довольно часто встречаются ошибки. Оба последних фактора приводят к тому, что генетические дистанции между близкими геномами могут оказаться завышенными. Чтобы избавиться от искажения результата, желательно, вычисляя дистанцию, вводить поправку на эти источники ошибок, рассчитывая *net*-дистанцию с учетом дистанции между геномами внутри одного таксона. В этом случае мы можем оценить внутривидовую дистанцию между геномами. Однако, к сожалению, эти показатели в настоящее время практически недоступны для немодельных объектов.

БЛАГОДАРНОСТИ

Приносим благодарность В.А. Горину за помощь в обзоре литературы по временам дивергенций амфибий и рептилий.

ИСТОЧНИКИ ФИНАНСИРОВАНИЯ

Работа поддержана Российским научным фондом (грант РНФ № 21-14-00007).

КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ

Авторы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

СОБЛЮДЕНИЕ ЭТИЧЕСКИХ СТАНДАРТОВ

Настоящая статья не содержит экспериментальных исследований с использованием животных в качестве объектов.

ПРИЛОЖЕНИЕ

В случае быстро эволюционирующих митохондриальных последовательностей использование для симуляции распределения Пуассона не подходит. Вместо этого мы симулировали последовательности для пары таксонов на основании реалистичных эволюционных моделей в программе Indelible v.1.03 (Fletcher, Yang, 2009). Истинная эволюционная дистанция между таксонами принимала одно из пяти значений (0.15–0.10–0.07–0.049–0.0343), для каждого варианта проводили 10000 симуляций. Три позиции кодонов имели каждая свою модель (соответственно, TrN + I + G, HKY + I + G, TrN + G), скорости позиций соотносились как 0.045 : 0.01 : 0.245. Параметры моделей приведены в контрольном файле ниже, вычислялись в RAUP* 4.0b10 (Swofford, 2003). Результаты отражены в табл. П1.

Контрольный файл (часть):

```
[MODEL] m1
[submodel] TrN30.0 15.0
[statefreq] 0.25 0.25 0.25 0.25
[rates] 0.5 0.5 4
[MODEL] m2
[submodel] HKY15.0
[statefreq] 0.4 0.25 0.20 0.15
[rates] 0.8 1.0 4
[MODEL] m3
[submodel] TrN12.0 36.0
```

Таблица П1. Некорректированные (*p*-)дистанции между симулированными последовательностями гена *cyt b*

Истинная дистанция	0.15	0.10	0.07	0.049	0.0343
Средняя <i>p</i> -дистанция	0.0914	0.0724	0.0551	0.0413	0.0303
CV	0.0888	0.1026	0.118	0.140	0.1628

[statefreq] 0.20 0.40 0.35 0.05
 [rates] 0.0 2.5 4
 [TREE] t1 (A:1.0, B:1.0);
 [treelength] 0.06300
 [TREE] t2 (A:1.0, B:1.0);
 [treelength] 0.01400
 [TREE] t3 (A:1.0, B:1.0);
 [treelength] 0.34300
 [PARTITIONS] p0
 [t1 m1 380]
 [t2 m2 380]
 [t3 m3 380]

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Грицышин В.А., Лисенкова А.А., Сперанская А.С., Артюшин И.В., Шефтель Б.И. и др., 2023. Мультилокусный анализ филогенетических отношений в видовом комплексе *Crocivura suaveolens sensu lato*: сравнение с митохондриальными данными // Докл. РАН. Т. 509. № 3. С. 147–154.
<https://doi.org/10.1134/S0012496623700308>
- Лисенкова А.А., Лебедев В.С., Ундрахбаяр Э., Богатырева В.Ю., Мельникова М.Н. и др., 2023. Филогения видового комплекса *Dipus sagitta* по результатам секвенирования ядерных генов // Докл. РАН. Т. 509. С. 155–160.
<https://doi.org/10.1134/S0012496623700230>
- Allio R., Delsuc F., Belkhir K., Douzery E.J., Ranwez V., Scornavacca C., 2024. OrthoMaM v12: A database of curated single-copy ortholog alignments and trees to study mammalian evolutionary genomics // Nucleic Acids Res. V. 52. № D1. P. D529–D535.
- Avise J.C., Ball R.M., 1990. Principles of genealogical concordance in species concepts and biological taxonomy // Oxford Surveys in Evolutionary Biology. V. 7 / Eds Futuyma D.J., Antonovics J. Oxford: Oxford Univ. Press. P. 45–67.
- Avise J.C., Johns G.C., 1999. Proposal for a standardized temporal scheme of biological classification for extant species // Proc. Natl. Acad. Sci. USA. V. 96. P. 7358–7363.
- Avise J.C., Liu J.X., 2011. On the temporal inconsistencies of Linnean taxonomic ranks // Biol. J. Linn. Soc. V. 102. P. 707–714.
<https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.2011.01624.x>
- Avise J.C., Mitchell D., 2007. Time to standardize taxonomies // Syst. Biol. V. 56. № 1. P. 130–133.
<https://doi.org/10.1080/10635150601145365>
- Baird S.J., Macholan M., 2012. What can the *Mus musculus musculus*/*M. m. domesticus* hybrid zone tell us about speciation? // Turkish J. Zool. V. 30. P. 459–464.
- Baker R.J., Bickham J.W., 1986. Speciation by monobrachial centric fusions // Proc. Natl. Acad. Sci. V. 83. P. 8245–8248.
<https://doi.org/10.1073/pnas.83.21.8245>
- Baker R.J., Bradley R.D., 2006. Speciation in mammals and the genetic species concept // J. Mammal. V. 87. № 4. P. 643–662.
<https://doi.org/10.1644/06-MAMM-F-038R2.1>
- Bateson W., 1909. Heredity and variation in modern lights // Darwin and Modern Science / Ed. Seward A.C. Cambridge: Cambridge Univ. Press. P. 85–101.
- Bergeron L.A., Besenbacher S., Zheng J., Li P., Bertelsen M.F., et al., 2023. Evolution of the germline mutation rate across vertebrates // Nature. V. 615. P. 285–290.
<https://doi.org/10.1038/s41586-023-05752-y>
- Bergström A., Stanton D.W., Taron U.H., Frantz L., Sinding M.H.S., et al., 2022. Grey wolf genomic history reveals a dual ancestry of dogs // Nature. V. 607. № 7918. P. 313–320.
<https://doi.org/10.1038/s41586-022-04824-9>
- Bradley B.D., Baker R.J., 2001. A test of the genetic species concept: cytochrome-*b* sequences and mammals // J. Mammal. V. 82. № 4. P. 960–973.
[https://doi.org/10.1644/1545-1542\(2001\)082<0960:ATOTGS>2.0.CO;2](https://doi.org/10.1644/1545-1542(2001)082<0960:ATOTGS>2.0.CO;2)
- Butlin R.K., 2005. Recombination and speciation // Mol. Ecol. V. 14. № 9. P. 2621–2635.
- Coyne J.A., Orr H.A., 2004. Speciation. Sunderland: Sinauer Associates. 545 p.
- Dobzhansky T., 1937. Genetics and the Origin of Species. N.-Y.: Columbia Univ. Press. 364 p.
- Dobzhansky T., 1950. Mendelian populations and their evolution // Am. Nat. V. 84. № 819. P. 401–418.
- Dufresnes C., Lymberakis P., Kornilios P., Savary R., Perin N., Stöck M., 2018. Phylogeography of Aegean green toads (*Bufo viridis* subgroup): continental hybrid swarm vs. insular diversification with discovery of a new island endemic // BMC Evol. Biol. V. 18. P. 1–12.
<https://doi.org/10.1186/s12862-018-1179-0>
- Fedorova L., Fedorov A., 2003. Introns in gene evolution // Origin and Evolution of New Gene Functions / Ed. Long M. Dordrecht: Springer. 199 p.
- Feng Y.-J., Blackburn D.C., Liang D., Hillis D.M., Wake D.B., et al., 2017. Phylogenomics reveals rapid, simultaneous diversification of three major clades of Gondwanan frogs at the Cretaceous–Paleogene boundary // Proc. Natl. Acad. Sci. V. 114. № 29. P. E5864–E5870.
<https://doi.org/10.1073/pnas.1704632114>
- Fletcher W., Yang Z., 2009. INDELible: A flexible simulator of biological sequence evolution // Mol. Biol. Evol. V. 26. № 8. P. 1879–1888.
<https://doi.org/10.1093/molbev/msp098>
- Gavrillets S., 2003. Perspective: Models of speciation: What have we learned in 40 years? // Evolution. V. 57. № 10. P. 2197–2215.
<https://doi.org/10.1111/j.0014-3820.2003.tb00233.x>
- Good J.M., Dean M.D., Nachma M.W., 2008. A complex genetic basis to X-linked hybrid male sterility